

EVOLUSI, SPESIASI, DAN HIBRIDISASI PADA BEBERAPA ANGGOTA SAPINDACEAE

Nina Ratna Djuita

Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor, Kampus
Dramaga, Bogor 16680

Diterima 21 Mei 2012, disetujui 25 Juli 2012

ABSTRACT-Evolution in *Sapindaceae* have been running for a long time, as evidenced by the fossil of *Sapindopsis* encountered in the mid Cretaceous. Based on its characteristics, the genus is thought to live in stressful environments. *Sapindaceae* has the habitus of shrubs, trees, climbers, and the vine. Speciation in *Sapindaceae* can be found in genus *Acer*, while members of *Sapindaceae* which had hybridization can be found in genus *Aesculus*.

Keyword: evolution, speciation, hybridization, *Sapindaceae*

Review

Dalam kehidupannya, tumbuhan memiliki sejarah yang panjang. Dari zaman ke zaman, ada tumbuhan yang mendominasi daratan, sementara pada zaman lainnya, jumlah tumbuhan berkurang atau bahkan punah. Angiospermae, yang dikenal sebagai tumbuhan berbunga, muncul paling akhir dalam evolusi tumbuhan (Campbell *et al.* 1997). Kelompok ini memiliki keanekaragaman yang paling tinggi dibandingkan dengan tumbuhan lainnya (Wallace *et al.* 1996).

Beranekaragamnya tumbuhan yang ada di bumi terjadi melalui proses evolusi. Bukti bahwa evolusi merupakan sumber keanekaragaman bisa diperoleh dari fosil, distribusi sifat-sifat umum kelompok organisme, variasi geografi, dan studi lingkungan (Judd *et al.* 2002).

Berdasarkan catatan fosil, diketahui bahwa beberapa tumbuhan muncul lebih awal, sedangkan yang

lainnya muncul di akhir. Fosil angiospermae yang pertama diketahui berupa bunga dan serbuk sari yang berasal dari periode awal Cretaceous (Friis *et al.* 2010). Fosil yang memberikan gambaran keseluruhan tumbuhan dijumpai pada *Archaeofructus* (Raven *et al.* 2005). Fosil lainnya berasal dari bangsa *Nymphaeales*, bangsa pada dikot yang agak primitif. Pada pertengahan Cretaceous ditemukan fosil yang merujuk pada marga modern antara lain *Artocarpus* J.R. Forst & G. Forst, *Magnolia* L., dan *Typha* L. Pada akhir Cretaceous dijumpai suku *Fagaceae*, *Magnoliaceae*, dan *Salicaceae* (Shukla & Misra 1979).

Dalam populasi dan jenis tumbuhan dapat dijumpai variasi. Sumber variasi dapat berupa mutasi dan rekombinasi genetik (Alters & Alters 2006). Mutasi menyebabkan perubahan susunan basa pada DNA. Hal ini bisa terjadi melalui mutasi gen (mutasi titik), atau mutasi

pada kromosom karena adanya delesi, duplikasi, dan translokasi (Russel 1994).

Rekombinasi genetik terjadi pada jenis-jenis yang melakukan pembiakan dengan cara perkawinan. Pada saat meiosis, kromosom homolog seharusnya mempunyai gen-gen dari induk jantan saja atau induk betina saja, namun pada peristiwa rekombinasi genetik, kromosom mengalami pindah silang, dan menghasilkan gen-gen campuran induknya.

Variasi pada tumbuhan dapat juga dihasilkan melalui spesiasi. Spesiasi merupakan proses pembentukan suatu spesies baru. Gandum (*Triticum aestivum* L.) yang kita kenal sekarang merupakan hasil dari proses evolusi dan spesiasi (Raven *et al.* 2005). Contoh lainnya adalah kedelai. Berdasarkan jumlah dan ukuran kromosom, morfologi, distribusi geografi, dan pola pita elektroforesis dari protein biji, diduga bahwa *Glycine soja* Siebold & Zucc. (kedelai liar) kemungkinan merupakan nenek moyang dari *G. max* Merr. (kedelai) (Hymowitz 1976).

Evolusi pada Anggota Sapindaceae

Salah satu anggota angiospermae adalah *Sapindaceae*, yang dikenal sebagai suku lerak-lerakan. *Sapindaceae* dalam arti sempit hanya meliputi suku ini saja, namun dalam perkembangannya, suku *Aceraceae* dan *Hypocastanaceae*

digabung ke dalam *Sapindaceae* (Jud *et al.* 2002).

Ada beberapa pendapat yang berbeda mengenai jumlah anggota suku ini, menurut Jud *et al.* (2002) terdapat 147 marga dan 2.215 jenis, menurut Simpson (2006) 133 marga dan 1.560 jenis, sedangkan menurut Buerki *et al.* (2009) 140 marga dan 1.990 jenis. Turunnya jumlah marga dan jenis dari tahun 2002 ke 2006 kemungkinan karena adanya revisi nama-nama ilmiah yang berakibat beberapa nama menjadi sinonim, sehingga mengurangi jumlah jenis yang ada. Naiknya jumlah jenis dari tahun 2006 ke 2009 diduga karena adanya penambahan jenis-jenis yang baru diketahui.

Sapindaceae diusulkan untuk dibagi menjadi empat anak suku yaitu *Sapindoideae*, *Dodonaeoideae*, *Hippocastanoideae*, dan *Xanthoceroideae* (Harrington *et al.* 2005). Berdasarkan skenario biogeografi, diduga bahwa *Sapindaceae* berasal dari Eurasia sekitar awal Cretaceous, setelah itu menyebar ke Asia Tenggara pada akhir Cretaceous atau awal Palaeocene. Dari sini, nenek moyang *Sapindaceae* menyebar ke Australia – Antartika, diikuti oleh rangkaian penyebaran yang lebih luas, baik di belahan bumi utara maupun selatan (Buerki *et al.* 2011). Skenario biogeografi tersebut menduga bahwa wilayah Asia Tenggara merupakan

pusat diversifikasi dan penyebaran *Sapindaceae* di daerah tropik.

Anggota *Sapindaceae* ada yang berupa perdu, pohon, dan liana. Beberapa anggotanya yang penting secara ekonomis antara lain lengkung (*Dimocarpus longan* Lour.), leci (*Litchi cinensis* Sonn.), dan rambutan (*Nephelium lappaceum* L.). Semuanya menghasilkan buah yang dapat dimanfaatkan sebagai buah meja. Buah *Sapindus* L. dapat digunakan sebagai sabun alami karena adanya saponin (Jud *et al.* 2002). Ada juga yang dimanfaatkan sebagai tanaman hias seperti *Koelreuteria* Laxm., *Ungnadia* Endl. (Buerki 2009), *Acer* L., *Aesculus* L., dan *Cardiospermum* L. (Jud *et al.* 2002). Marga lainnya, digunakan dalam mempelajari kromosom, contohnya *Serjania* Mill., *Urvillea* Kunth, dan *Talisia* Aubl.

Suku *Sapindaceae* telah lama mendiami bumi. Berdasarkan catatan fosil diketahui bahwa salah satu anggotanya yaitu *Sapindopsis* F.C. How & C.N. Ho (SUH) dijumpai di Cheyenne Sandstone di bagian barat daya Kansas. Fosil tersebut diduga berasal dari tahap Cretaceous. Fosil ini ditemukan bersama-sama dengan fosil paku-pakuan, konifer, dan angiospermae lainnya (Huang & Dilcher 1994). Fosil *Sapindopsis* juga dijumpai di dalam endapan batu kapur di sepanjang pantai di Libanon. Umur fosil ini diduga sekitar 93 juta tahun, berasal

dari pertengahan Cretaceous (Dilcher & Basson 1990).

Ada hal yang menarik dari penemuan *Sapindopsis* yaitu fosil ini berasal dari tahap awal evolusi tumbuhan berbunga. Selain itu, fosil dari Libanon juga ditemukan bersama-sama dengan paku-pakuan, kadal, dan fosil hewan laut. Campuran seperti ini jarang terjadi dan tentunya bernilai dalam rekonstruksi paleoekologi dari deposit fosil tersebut (Dilcher & Basson 1990).

Batu kapur di laut bukan merupakan substrat yang umum bagi fosil tumbuhan angiospermae. Hal ini menimbulkan pertanyaan, apakah mungkin tumbuhan ini bisa hidup di daerah dengan kadar garam yang cukup tinggi ataukah habitatnya dulu telah terendam oleh air laut? Untuk menjawab hal tersebut masih memerlukan penelitian lebih lanjut.

Setelah melalui pengamatan pada fosil daun yang ditemukan di Libanon, fosil tersebut diberi nama *Sapindopsis an-houryi* sp. nov. Dilcher & Basson. Nama ini diberikan sebagai penghormatan kepada Roland Anhoury yang menyediakan spesimen untuk penelitian yang dilakukan oleh Dilcher dan Basson.

Sifat khusus dari jenis baru ini adalah mempunyai sepasang organ mirip stipula yang melekat pada dasar tangkai daun. Morfologi dan pertulangan daun juga berbeda dari jenis lain pada *Sapin-*

dopsis F.C. How & C.N. Ho (SUH). Jenis baru ini memberi kesan bahwa daun majemuk menyirip dengan stipula atau daun berlekuk menyirip merupakan bentuk awal dari daun angiospermae. Berdasarkan adanya ciri seperti anak daun yang kecil, menyempit, mengulit, dan sebagian helai daun yang menggulung, diduga bahwa fosil daun ini dihasilkan oleh tumbuhan yang hidup dalam lingkungan yang stress (Dilcher & Basson 1990).

Peneliti lain melihat evolusi *Sapindaceae* dari segi kromosom yang jumlahnya bervariasi, ada yang $2n = 14$, sampai $2n = 96$. Variasi jumlah kromosom menunjukkan bahwa disploid mungkin memainkan peranan penting dalam evolusi suku ini (Lombello & Forni-Martins 1998).

Menurut Ferrucci (2000), jumlah kromosom dasar pada *Sapindaceae* adalah $x = 7$, sedangkan $x = 9, 10, 11, 12, 13, 15$, dan 16 diperoleh melalui aneuploid dan poliploid. Poliploid pada suku tersebut termasuk jarang, hanya tiga marga dari puak yang berbeda yang menunjukkan jenis poliploid yaitu *Urvillea* Kunth (puak *Paullinieae*), *Allophylus* L. (puak *Thouinieae*), dan *Melicoccus* P. Browne (puak *Melicocceae*).

Lombello dan Forni-Martins (1998) mempelajari tentang kromosom anggota *Sapindaceae* yang berbentuk lia-

na yaitu *Serjania* Mill. ($2n = 24$) dan *Urvillea* Kunth ($2n = 22, 2n = 24, 2n = 44, 2n = 86$), yang termasuk puak *Paullinieae*, dan *Talisia* Aubl. berupa pohon atau semak ($2n = 32$) termasuk puak *Melicocceae*.

Terdapat rangkaian poliploid untuk *Urvillea* berdasarkan pada $x = 11$. Jumlah ini tampaknya merupakan turunan dari jumlah kromosom dasar $x = 12$ yang dijumpai pada puak *Paullinieae*. Jika $x = 11$ diterima untuk marga *Urvillea*, ada kemungkinan terjadi aneuploid, tapi tidak diikuti oleh poliploid *U. laevis* ($2n = 24$) (Ferrucci 1981).

Menurut Lombello dan Forni-Martins (1998), investigasi terhadap hubungan antara evolusi habitus pemanjat dan diferensiasi kromosom dimudahkan oleh adanya fakta bahwa marga *Serjania* Mill. dan *Urvillea* Kunth mempunyai habitus tetap berupa liana, sedangkan *Talisia* Aubl. berupa semak atau pohon. Tampaknya ada hubungan antara habitus tumbuhan dan pengelompokan jumlah kromosom dalam puak anggota *Sapindaceae*.

Pada marga liana seperti *Paullinia* L., *Serjania* Mill., *Thinouia* Triana & Planch, *Houssayanthus* Hunz., dan *Urvillea* Kunth (puak *Paullinieae*) jumlah kromosom bervariasi dari $2n = 14$ sampai $2n = 86$, tetapi seringkali $2n = 24$. *Urvillea* Kunth mempunyai jumlah kromosom $2n = 44$ atau 86 karena poliploid. Sementara

itu, dalam jenis bukan liana, variasi jumlah kromosom berkisar dari $2n = 18$ sampai $2n = 96$, tetapi seringnya $2n = 32$. Penghitungan kromosom untuk *Talisia obovata* A.C.Sm ($2n = 32$) sesuai dengan pola perdu dan pohon (Lombello dan Forni-Martins 1998). Masih menurut peneliti ini, ada dugaan bahwa habitus liana dalam *Sapindaceae* berasal dari jenis bukan liana melalui evolusi kromosom berdasarkan reduksi jumlah kromosom, seperti yang diamati pada puak *Paullinieae*. Secara umum, tampaknya peningkatan panjang kromosom dalam jenis liana berhubungan dengan reduksi jumlah kromosom. Perbedaan jumlah kromosom yang berhubungan dengan jumlah kromosom antara jenis liana dan perdu/pohon mungkin menunjukkan bahwa spesiasi dapat disebabkan oleh perubahan struktur seperti inversi dan translokasi.

Spesiasi dan Hibridisasi pada Anggota *Sapindaceae*

Spesiasi dapat dihasilkan dari perubahan adaptif (Jud *et al.* 2002). Suatu jenis yang telah memasuki lingkungan baru yang berbeda dari lingkungan induknya dapat beradaptasi di tempat tersebut. Lama-kelamaan dapat terjadi perubahan secara lambat dalam morfologinya, mungkin juga ada isolasi reproduksi yang mencegah keberhasilan perkawinan.

Adanya rintangan geografi dapat pula menjadi penghalang bagi jenis tersebut untuk dapat mengadakan perkawinan. Salah satu masalah dalam mempelajari spesiasi adalah prosesnya yang lama. Kita hanya bisa melihat peristiwa ini setelah bertahun-tahun lamanya dan harus menduga suatu proses berdasarkan polanya (Jud *et al.* 2002).

Spesiasi pada anggota *Sapindaceae* dapat dijumpai pada marga *Acer* L. Di Pulau Ullung, Korea, dijumpai jenis *Acer takesimense* Nakai dan *A. okamotoanum* Nakai yang bersifat endemik. Pfosser *et al.* (2002) mengadakan penelitian untuk mengetahui asal geografi dan kemungkinan nenek moyang dari kedua jenis tersebut. Analisis sekuens *trnL* intron dan *trnL-trn-F intergenic spacer* dari cpDNA menunjukkan bahwa *A. takesimense* Nakai mempunyai hubungan yang dekat dengan *A. pseudo-sieboldianum* (Pax) Komarov dari daratan utama Korea dan *A. okamotoanum* Nakai kemungkinan berasal dari individu *A. mono* Maxim. yang berada di Korea. Populasi *A. takesimense* Nakai merupakan kelompok monofiletik, diduga bahwa mereka berasal dari satu populasi introduksi dari Semenanjung Korea, sedangkan populasi *A. okamotoanum* Nakai mempunyai kesamaan alel setidaknya dengan dua populasi nenek moyangnya, yang

kemungkinan menunjukkan asal yang banyak dari jenis endemik tersebut.

Acer okamotoanum Nakai dan *A. mono* Maxim. juga diteliti oleh Takayama *et al.* (2011). Hasilnya menunjukkan bahwa keragaman genetik dalam hal kekayaan alel dan heterozigositas lebih rendah pada *A. okamotoanum* Nakai daripada *A. mono* Maxim. Analisis kluster Bayesian menunjukkan nilai F yang relatif tinggi pada kluster *A. okamotoanum* Nakai, diduga ada episode hanyutan genetik yang kuat selama kolonisasi dan spesiasi di Pulau Ullung.

Pembentukan variasi pada tanaman baru dapat juga dihasilkan melalui proses hibridisasi. Meskipun spesiasi hibrid banyak berasosiasi dengan poliploid, namun pada beberapa kasus dijumpai hibridisasi diploid, dimana persilangan antara dua jenis diploid menghasilkan jenis diploid pula (Jud *et al.* 2002).

Anggota *Sapindaceae* yang mengalami hibridisasi dapat dijumpai pada *Aesculus* L. Contoh anggota marga ini adalah jenis *A. pavia* L., *A. sylvatica* W. Bartram, dan *A. flava* Sol. Hibrid yang terbentuk adalah *A. sylvatica* x *A. pavia* dan *A. sylvatica* x *A. flava*. Ketiga jenis ini dan hibridnya ada di bagian tenggara Amerika Serikat (Hardin 1957). Zona hibridnya sendiri termasuk luas, mencapai 200 km. Hasil analisis genetik yang dil-

akukan Thomas *et al.* (2008) menunjukkan bahwa variabilitas genetik antara populasi hibrid dan tetuanya sama, mengindikasikan bahwa tidak ada bukti peningkatan keanekaragaman dalam zona hibrid.

Penelitian tentang hibridisasi lainnya dilakukan oleh McConchie *et al.* (1994). Mereka meneliti hibrid antar marga pada leci (*Litchi chinensis* Sonn.) dan lengkung (*Dimocarpus longan* Lour.). *Litchi chinensis* cv Bengal yang diserbuki oleh *D. longan* cv. Macleans Ridges menghasilkan buah dengan morfologi berbeda: yang pertama adalah buah tanpa biji atau embrio yang berkembang, yang kedua buah dengan biji yang berkembang namun embrionya gugur, dan yang ketiga adalah buah dengan biji dan embrio yang berkembang normal.

Secara morfologi, hibrid yang diduga dari leci mempunyai daun yang lebih kecil daripada bibit yang berasal dari bunga yang diserbuki sendiri. Indumentum dari semua tumbuhan hibrid mirip leci dan tidak mempunyai kumpulan rambut-rambut seperti pada lengkung.

Pada persilangan leci dan lengkung dijumpai inkompatibilitas. Hal ini dapat dilihat dari sedikitnya buluh serbuk sari yang ada pada putik setelah penyerbukan silang dibandingkan dengan penyerbukan sendiri. Pada leci, rata-rata jumlah buluh serbuk sari yang masuk ke

bakal biji mengalami penurunan sebesar 60 % setelah penyerbukan silang dan jumlah buah yang dihasilkan kurang dari 10 %. Meskipun ada penghalang dalam pemuliaan baik dalam tahap pre-zigotik maupun post-zigotik namun masih memungkinkan untuk menghasilkan keturunan hibrid yang *viabile* antara leci dan lengkung (McConchie *et al.* 1994).

Ellis *et al.* (1991) menduga bahwa interaksi serbuk sari dan putik dapat digunakan untuk menguji hubungan evolusi di antara kelompok taksonomi. Hal ini berdasarkan teori yang dikemukakan Hogenboom (1984) yang menyatakan bahwa koordinasi serbuk sari dan putik hilang karena hubungan antara jenis menurun melalui evolusi konvergen.

Bagaimana Spesiasi pada *Nephelium* ?

Marga *Nephelium* berpusat di Semenanjung Malaysia, kemudian menyebar ke daratan Asia, Filipina, dan Kalimantan. Anggota marga ini terdiri atas 22 jenis, 5 di Burma, Thailand, dan Indochina, 13 di Semenanjung Malaysia, 16 di Borneo, 4 di Filipina, 3 di bagian barat Jawa, dan 1 di Sulawesi (Seibert 1992). Namun demikian, bila kita lihat datanya, kemungkinan yang menjadi pusat *Nephelium* adalah Borneo, karena di sini terdapat 16 jenis *Nephelium* meliputi 6 jenis endemik.

Jumlah ini lebih besar dibandingkan dengan daerah lainnya.

Beberapa contoh jenis *Nephelium* adalah *N. lappaceum* L., *N. costatum* Hiern, *N. cuspidatum* Blume, *N. daedaleum* Radlk., *N. hamulatum* Radlk., *N. juglandifolium* Blume, *N. laurinum* Blume, *N. maingayi* Hiern, *N. meduseum* Leenh., *N. melliferum* Gagnep., *N. papillatum* Leenh., *N. reticulatum* Radlk., *N. subfalcatum* Radlk., *N. uncinatum* Radlk. ex Leenh., dan *N. ramboutan-ake* (Labill.) Leenh. (Uji 1998). Di antara marga *Nephelium*, *N. lappaceum* L. (rambutan) merupakan salah satu jenis yang paling digemari. Biji rambutan mempunyai pulp putih yang manis dan mengelotok pada kultivar yang baik, sedangkan pada bentuk liarnya mempunyai pulp sedikit dan rasanya asam.

Asal rambutan budidaya ($2n = 2x = 22$) kemungkinan dari rambutan liar atau dari kerabat liar yang sangat dekat di bagian barat Malaysia, mungkin di Paparan Sunda ketika Malaysia, Kalimantan, Sumatera, dan Jawa masih tertutup oleh hutan hujan (Simmonds 1976). Pada jenis liar *Nephelium* dan jenis budidaya yang kurang terpilih, daging buahnya (pulp) tidak terpisah dari lapisan dalam testa yang kuat. Seleksi untuk memisahkan daging buah menghasilkan “Penang Rambutan”. Seleksi ini meningkat-

kan rasa manis tapi menghilangkan rasa liarnya (Corner 2009).

Berbagai varietas unggul rambutan telah diketahui, misalnya rambutan Binjai, Rapih, Lebak Bulus, Sibongkok, Antalagi, Garuda, dan Sibatuk Ganai (Kalie 1995). Varietas tersebut dihasilkan oleh para pemulia yang berbeda-beda. Untuk dapat menghasilkan rambutan dengan kualitas baik dapat dilakukan kawin silang atau hibridisasi, namun demikian belum diketahui secara pasti hibridisasi pada *Nephelium* yang menghasilkan jenis baru.

Saat ini ada dugaan bahwa rambutan rapih (*N. lappaceum*) kemungkinan berupa hibrid yang berasal dari kapulasan (*N. ramboutan-ake*) dan rambutan lain. Dugaan ini antara lain didasarkan pada adanya rambut-rambut yang pendek pada rapih, yang diduga berasal dari sifat kapulasan, namun hal ini masih perlu dibuktikan dengan penelitian yang lebih mendalam.

Tampaknya, penelitian tentang spesiasi pada rambutan khususnya atau *Nephelium* pada umumnya belum banyak dilakukan. Yang sudah dikerjakan beberapa peneliti adalah melihat hubungan kekerabatan di antara jenis-jenis *Nephelium* yang ada. Zamzuriada *et al.* (2009) meneliti tentang hubungan kekerabatan *Nephelium* berdasarkan sekuens DNA kloroplas dan DNA inti. Hasilnya menunjukkan bahwa semua taksa *Nepheli-*

ummengelompok bersama membentuk kelompok monofiletik. Namun demikian, dari hasil yang diperoleh ternyata ada *Nephelium* dari jenis yang sama (*N. cuspidatum*) tetapi varietasnya berbeda ternyata tidak mengelompok pada klad yang sama. Ada juga yang jenisnya berbeda (*N. maingayi* dan *N. ramboutan-ake*) ternyata mengelompok pada klad yang sama. Menurut Zamzuriada *et al.* (2009), taksa *Nephelium* yang mengelompok bersama dalam klad mempunyai asal geografi yang sama.

Clyde *et al.* (2005) meneliti tentang keanekaragaman genetik *N. ramboutan-ake* dengan menggunakan marker *Random Amplified Polymorphism DNA* dan *Inter Simple Sequence Repeat*. Persentase polimorfisme yang tinggi dideteksi pada semua aksesori yang diuji, sebanyak 98,54 % pita ditemukan polimorfik. Aksesori *N. ramboutan-ake* dibagi menjadi dua kluster besar yaitu Y dan Z. Kluster Y dibagi lagi menjadi Y₁ dan Y₂. Subgrup Y₂ (1) mempunyai pulp yang manis dan mudah lepas dari biji, sedangkan pulp dari aksesori S₁, subgroup Y₂ (2) rasanya manis asam dan arilusnya tidak mudah lepas. Hal ini menunjukkan kegunaan dan kemampuan marker RAPD dalam mendeteksi aksesori dengan karakter tertentu.

Kesimpulan

Evolusi pada Sapindaceae telah dimulai sejak Cretaceous. Sampai sekarang banyak perubahan yang terjadi pada anggota suku ini, dengan munculnya jenis-jenis yang semakin bervariasi dalam struktur maupun habitusnya, dibandingkan dengan pada waktu awal kemunculannya. Terjadinya spesiasi dan hibridisasi telah menambah keanekaragaman anggota Sapindaceae.

Daftar Pustaka

- Alters, S., Alters, B. (2006). *Biology, Understanding Life*. John Wiley & Sons, Inc. Hoboken.
- Buerki, S., Forest, F., Acevedo-Rodriguez, P., Callmander, M.W., Nylander, J.A.A., Harrington, M., Sanmartin, I., Kupfer, P., & Alvarez, N. (2009). Plastid and nuclear DNA markers reveal intricate relationships at subfamilial and tribal levels in the soapberry family (*Sapindaceae*). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 51, 238-258.
- Buerki, S., Forest, F., Alvarez, N., Nylander, J.A.A., Arrigo, N., & Sanmartin, I. (2011). An evaluation of new parsimony-based versus parametric inference methods in biogeography: a case study using the globally distributed plant family *Sapindaceae*. [Electronic version]. *Journal of Biogeography*, 38, 531-550.
- Campbell N.A., Mitchell L.G., Reece J.B. (1997). *Biology, Concepts and Connections*. 2nd. The Benjamin/ Cummings Publishing Company. Menlo Park.
- Clyde, M.M., Chew, P.C., Normah, M.N., Rao, V.R., & Salma, I. (2005). Genetic diversity of *Nephelium ramboutan-ake* Leenh. Assessed using RAPD and ISSR markers. Proceeding. 2nd on Lychee, Longan, Rambutan & Other *Sapindaceae* Plants. Eds Chomchalow N, Sukhvibul N. Acta Hort.665, ISHS 2005.
- Corner, E.C.J. (2009). *The Seeds of Dicotyledons*. Cambridge University Press. Cambridge.
- Dilcher, D.L., & Basson, P.W. (1990). Mid-Cretaceous angiosperm leaves from a new fossil locality in Lebanon. *Botanical Gazette*, 151, 538-547.
- Ellis, M.F., Sedgley, M., & Gardner, J.A. (1991). Interspecific pollen-pistil interaction in *Eucalyptus* L'Her. (*Myrtaceae*): The effect of taxonomic distance. *Annals of Botany*, 68, 185-194.

- Ferucci, M.S. (1981). Recuentos cromosomicos en Sapindaceas. *Bonpanlandia*, 5, 73-81.
- Ferrucci, M.S. (2000). Cytotaxonomy of *Sapindaceae* with special reference to the tribe *Paullinieae*. [Electronic version]. *Genetic and Molecular Biology*, 23, 941-946.
- Friis, E.M., Pedersen, K.J., & Crane, P.R. (2010). Diversity in obscurity: fossil flowers and the early history of angiosperms [Electronic version]. *Philosophical Transaction of the Royal Society B (Biological Sciences)*, 365, 369-382.
- Hardin, J.W. (1957). Studies in the *Hippocastanaceae*. IV. Hybridization in *Aesculus*. *Rhodora*, 59, 185-203.
- Harrington, Mark, G., Edwards, Karen, J., Sheila, A., Chase, Mark, W., Gadek, & Paul A. (2005). Phylogenetic inference in *Sapindaceae* sensu lato using matK and rbcL DNA sequences. *Systematic Botany*, 30, 366-382.
- Hogenboom, N.G. (1984). Incongruity: non-functioning of intercellular and intracellular partnership through mismatching information. In H.F. Linskens & J. Heslop-Harrison (Eds.), Encyclopedia of Plant Physiology, New Series vol 17, Cellular interactions: pp. 640-651. Berlin: Springer-Verlag.
- Huang, Q.C., and Dilcher, D. L. (1994), Evolutionary and paleoecological implications of fossil plants from the Lower Cretaceous Cheyenne Sandstone of the Western Interior. In Shurr, G. W., Ludvigson, G. A., and Hammond, R. H.. eds., Perspectives on the Eastern Margin of the Cretaceous Western Interior Basin: Boulder, Colorado. Geological Society of America Special Paper 287.
- Hymowitz, T. (1976). Soybeans *Glycine max* (Leguminosae – Papilionatae). In N.W. Simmonds (Ed.). Evolution of Crop Plants. Longman Group Limited. London.
- Judd, W.S., Campbell, C.S., Kellogg, E.A., Stevens, P.F., & Donoghue, M.J. (2002). *Plant Systematics, A Phylogenetic Approach*. 2nd. Sinauer Associates, Inc. Sunderland.
- Kalie, M.G. (1993). *Budidaya Rambutan Varietas Unggul*. Kanisius. Yogyakarta.

- Lombello R.A., and Forni-Martins, E.R. (1998). Chromosomal studies and evolution in *Sapindaceae*. *Caryologia*, 51, 81-93.
- McConchie, C.A., Vithanage, V., & Batten, D.J. (1994). Intergeneric hybridization between litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) and longan (*Dimocarpus longan* Lour.). *Annals of Botany*, 74, 111-118.
- Pfossor, M.F., Guzy-Wrobelska, T, Sun, B.Y., Stuessy, T.F., Sugawara, T., & Fujii N. (2002). The origin of species of *Acer* (*Sapindaceae*) endemic to Ullung Island, Korea. *Systematic Botany*, 27, 351-367.
- Raven, P.H., Evert, R.F., & Eichorn, S.E.. (2005). *Biology of Plants*. Ed ke 7, WH Freeman and Company Publishers. New York.
- Russel, P.J. (1994). *Fundamental of Genetics*. Harper Collins College Publishers. New York.
- Seibert, B. (1992). In E.W.M., Verheij and R.E. Coronel (Eds). *PlantResources of South-East Asia no 2. Edible fruits and nuts*. Prosea Foundation. Bogor.
- Shukla, P., and Misra, S.P. (1979). *An Introduction to Taxonomy of Angiosperms*. Vikas Publishing House PVT Ltd. New Delhi.
- Simmonds, N.W. (1976). *Evolution of Crop Plants*. Longman Group Limited. London.
- Simpson, M.G. (2006). *Plant Systematics*. Elsevier Academic Press. Amsterdam.
- Takayama, K., Sun, B.Y., & Stuessy, T.F. (2011). Genetic consequences of anagenetic speciation in *Acer okamotoanum* (*Sapindaceae*) on Ullung Island, Korea. [Electronic version]. *Annals of Botany*. <http://aob.oxfordjournals.org>.
- Thomas, D.T., Ahedor, A.R., Williams, C.F., dePamphilis, C., Crawford, D.J., & Qiu-Yun, X. (2008). Genetic analysis of a broad hybrid zone in *Aesculus* (*Sapindaceae*): is there evidence of long-distance pollen dispersal? *International Journal of Plant Sciences*, 169, 647-657.
- Uji, T. (1998). *Nephelium* L. In M.S.M. Sosef., L.T. Hong., S. Prawirohatmodjo (Eds.), Plant Resources of South-East Asia no 5 (3) Timber trees: Lesser-known timbers. (pp 404-406). Prosea Foundation, Bogor.
- Wallace R.A., Sanders G.P., & Ferl R.J. (1996). *Biology, The Science of Life*. 4th. Harper Collins College Publishers. New York.

Zamzuriada, A.S., Mahani, M.C., & Choong, C.Y. (2009). Phylogenetic study of *Nephelium* species based on the chloroplast DNA sequences. Proceedings of the Eighth Malaysia Congress on Genetics. Role of Genetics in Wealth Creation and Quality of Life. Pahang: 345-348